```
AB071394
LOCUS       AB071394                3329 bp    mRNA    linear   MAM 21-MAY-2003
DEFINITION  Sus scrofa TLR9 mRNA for Toll-like receptor 9, complete cds.
ACCESSION   AB071394
VERSION     AB071394.1  GI:29420456
KEYWORDS    .
SOURCE      Sus scrofa (pig)
  ORGANISM  Sus scrofa
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Suina; Suidae;
            Sus.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Shimosato,T., Kitazawa,H., Katoh,S., Tomioka,Y., Karima,R.,
            Ueha,S., Kawai,Y., Hishinuma,T., Matsushima,K. and Saito,T.
  TITLE     Swine Toll-like receptor 9(1) recognizes CpG motifs of human cell
            stimulant
  JOURNAL   Biochim. Biophys. Acta 1627 (1), 56-61 (2003)
   PUBMED   12759192
REFERENCE   2  (bases 1 to 3329)
  AUTHORS   Shimosato,T. and Kitazawa,H.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (12-SEP-2001) Haruki Kitazawa, Tohoku University,
            Graduate School of Agricultural Science; 1-1
            Tsutsumidori-Amamiyamachi, Sendai, Miyagi 981-8555, Japan
            (E-mail:haruki@bios.tohoku.ac.jp,
            URL:http://www.agri.tohoku.ac.jp/douka/kitazawa/kitazawa.html,
            Tel:81-22-717-8713, Fax:81-22-717-8715)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .3329
                     /organism="Sus scrofa"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9823"
                     /cell_type="splenocyte"
                     /tissue_type="Spleen"
                     /note="common name: swine"
     gene            1. .3329
                     /gene="TLR9"
     CDS             55. .3147
                     /gene="TLR9"
                     /codon_start=1
                     /product="Toll-like receptor 9"
                     /protein_id="BAC66473.1"
                     /db_xref="GI:29420457"
                     /translation="MGPRCTLHPLSLLVQVTALAATLAQGRLPAFLPCELQPHGLVNC
                     NWLFLKSVPHFSAAAPRANVTSLSLLSNRIHHLHDSDFVHLSSLRTLNLKWNCPPAGL
                     SPMHFPCHMTIEPNTFLAVPTLEELNLSYNSITTVPALPDSLVSLSLSRTNILVLDPT
                     HLTGLHALRYLYMDGNCYYKNPCQGALEVVPGALLGLGNLTHLSLKYNNLTEVPRSLP
                     PSLETLLLSYNHIVTLTPEDLANLTALRVLDVGGNCRRCDHARNPCRECPKDHPKLHS
                     DTFSHLSRLEGLVLKDSSLYNLDARWFRGLDRLQVLDLSENFLYDCITKTTAFQGLAR
                     LRKLNLSFNYHKKVSFAHLHLAPSFGHLRSLKELDMHGIFFRSLSETTLQPLVQLPML
                     QTLRLQMNFINQAQLSIFGAFPGLLYVDLSDNRISGAARPVAITREVDGRERVWLPSR
                     NLAPRPLDTLRSEDFMPNCKAFSFTLDLSRNNLVTIQSEMFARLSRLECLRLSHNSIS
                     QAVNGSQFVPLTSLRVLDLSHNKLDLYHGRSFTELPRLEALDLSYNSQPFTMQGVGHN
                     LSFVAQLPALRYLSLAHNDIHSRVSQQLCSASLCALDFSGNDLSRMWAEGDLYLRFFQ
                     GLRSLVWLDLSQNHLHTLLPRALDNLPKSLKHLHLRDNNLAFFNWSSLTLLPKLETLD
                     LAGNQLKALSNGSLPSGTQLRRLDLSGNSIGFVNPGFFALAKQLEELNLSANALKTVE
                     PSWFGSMVGNLKVLDVSANPLHCACGATFVGFLLEVQAAVPGLPSRVKCGSPGQLQGH
                     SIFAQDLRLCLDETLSWNCFGISLLAMALGLVVPMLHHLCGWDLWYCFHLCLAWLPHR
                     GQRRGADALFYDAFVVFDKAQSAVADWVYNELRVQLEERRGRRALRLCLEERDWLPGK
                     TLFENLWASVYSSRKTLFVLAHTDRVSGLLRASFLLAQQRLLEDRKDVVVLVILRPDA
                     YRSRYVRLRQRLCRQSVLLWPHQPRGQGSFWAQLGTALTRDNRHFYNRNFCRGPTTAE"
```

ORIGIN

Query Match 100.0%; Score 3329; DB 9; Length 3329;
Best Local Similarity 100.0%;
Matches 3329; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy          1 AGCTGCGGCCCGGTCTGCCAGCCAGACCCTTTGGAGAAGACCCCACTCCCTGTCATGGGC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 AGCTGCGGCCCGGTCTGCCAGCCAGACCCTTTGGAGAAGACCCCACTCCCTGTCATGGGC 60

Qy         61 CCCCGCTGCACCCTGCACCCCCTTTCTCTCCTGGTGCAGGTGACAGCGCTGGCTGCGACT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 CCCCGCTGCACCCTGCACCCCCTTTCTCTCCTGGTGCAGGTGACAGCGCTGGCTGCGACT 120

Qy        121 CTGGCCCAGGGCAGGCTGCCTGCCTTCCTGCCCTGTGAGCTCCAGCCCCACGGCCTGGTG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CTGGCCCAGGGCAGGCTGCCTGCCTTCCTGCCCTGTGAGCTCCAGCCCCACGGCCTGGTG 180

Qy        181 AACTGCAACTGGCTCTTCCTGAAGTCCGTGCCCCACTTCTCGGCGGCAGCGCCCCGGGCC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 AACTGCAACTGGCTCTTCCTGAAGTCCGTGCCCCACTTCTCGGCGGCAGCGCCCCGGGCC 240

Qy        241 AACGTCACCAGCCTCTCCTTACTCTCCAACCGCATCCACCACTTGCACGACTCTGACTTC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 AACGTCACCAGCCTCTCCTTACTCTCCAACCGCATCCACCACTTGCACGACTCTGACTTC 300

Qy        301 GTCCACCTGTCCAGCCTACGAACTCTCAACCTCAAGTGGAACTGCCCGCCGGCTGGCCTC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GTCCACCTGTCCAGCCTACGAACTCTCAACCTCAAGTGGAACTGCCCGCCGGCTGGCCTC 360

Qy        361 AGCCCCATGCACTTCCCCTGCCACATGACCATCGAGCCCAACACCTTCCTGGCCGTGCCC 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCCCCATGCACTTCCCCTGCCACATGACCATCGAGCCCAACACCTTCCTGGCCGTGCCC 420

Qy        421 ACCCTGGAGGAGCTGAACCTGAGCTACAACAGCATCACGACCGTGCCTGCCCTGCCCGAC 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 ACCCTGGAGGAGCTGAACCTGAGCTACAACAGCATCACGACCGTGCCTGCCCTGCCCGAC 480

Qy        481 TCCCTCGTGTCCCTGTCGCTGAGCCGCACCAACATCCTGGTGCTAGACCCCACCCACCTC 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 TCCCTCGTGTCCCTGTCGCTGAGCCGCACCAACATCCTGGTGCTAGACCCCACCCACCTC 540

Qy        541 ACTGGCCTACATGCCCTGCGCTACCTGTACATGGATGGCAACTGCTACTACAAGAACCCC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 ACTGGCCTACATGCCCTGCGCTACCTGTACATGGATGGCAACTGCTACTACAAGAACCCC 600

Qy        601 TGCCAGGGGGGCGCTGGAGGTGGTGCCGGGTGCCCTCCTCGGCCTGGGCAACCTCACACAT 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TGCCAGGGGGGCGCTGGAGGTGGTGCCGGGTGCCCTCCTCGGCCTGGGCAACCTCACACAT 660

Qy        661 CTCTCACTCAAGTACAACAATCTCACGGAGGTGCCCCGCAGCCTGCCCCCCAGCCTGGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTCTCACTCAAGTACAACAATCTCACGGAGGTGCCCCGCAGCCTGCCCCCCAGCCTGGAG 720

Qy        721 ACCCTGCTGTTGTCCTACAACCACATTGTCACCCTGACGCCTGAGGACCTGGCCAATCTG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 ACCCTGCTGTTGTCCTACAACCACATTGTCACCCTGACGCCTGAGGACCTGGCCAATCTG 780

Qy        781 ACTGCCCTGCGCGTGCTTGATGTGGGGGGGAACTGCCGCCGCTGTGACCATGCCCGCAAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 ACTGCCCTGCGCGTGCTTGATGTGGGGGGGAACTGCCGCCGCTGTGACCATGCCCGCAAC 840
```

```
Qy        841 CCCTGCAGGGAGTGCCCAAAGGACCACCCCAAGCTGCACTCTGACACCTTCAGCCACCTG 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 CCCTGCAGGGAGTGCCCAAAGGACCACCCCAAGCTGCACTCTGACACCTTCAGCCACCTG 900

Qy        901 AGCCGCCTCGAAGGCCTGGTGTTGAAAGACAGTTCTCTCTACAACCTGGACGCCAGGTGG 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 AGCCGCCTCGAAGGCCTGGTGTTGAAAGACAGTTCTCTCTACAACCTGGACGCCAGGTGG 960

Qy        961 TTCCGAGGCCTGGACAGGCTCCAAGTGCTGGACCTGAGTGAGAACTTCCTCTACGACTGC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TTCCGAGGCCTGGACAGGCTCCAAGTGCTGGACCTGAGTGAGAACTTCCTCTACGACTGC 1020

Qy       1021 ATCACCAAGACCACGGCCTTCCAGGGCCTGGCCCGACTGCGCAAGCTCAACCTGTCCTTC 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 ATCACCAAGACCACGGCCTTCCAGGGCCTGGCCCGACTGCGCAAGCTCAACCTGTCCTTC 1080

Qy       1081 AATTACCACAAGAAGGTGTCCTTTGCCCACCTGCACCTGGCACCCTCCTTTGGGCACCTC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 AATTACCACAAGAAGGTGTCCTTTGCCCACCTGCACCTGGCACCCTCCTTTGGGCACCTC 1140

Qy       1141 CGGTCCCTGAAGGAGCTGGACATGCATGGCATCTTCTTCCGCTCGCTCAGTGAGACCACG 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGGTCCCTGAAGGAGCTGGACATGCATGGCATCTTCTTCCGCTCGCTCAGTGAGACCACG 1200

Qy       1201 CTCCAACCTCTGGTCCAACTGCCTATGCTCCAGACCCTGCGCCTGCAGATGAACTTCATT 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 CTCCAACCTCTGGTCCAACTGCCTATGCTCCAGACCCTGCGCCTGCAGATGAACTTCATT 1260

Qy       1261 AACCAGGCCCAGCTCAGCATCTTTGGGGCCTTCCCTGGCCTGCTGTACGTGGACCTATCG 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 AACCAGGCCCAGCTCAGCATCTTTGGGGCCTTCCCTGGCCTGCTGTACGTGGACCTATCG 1320

Qy       1321 GACAACCGCATCAGCGGAGCTGCAAGGCCAGTGGCCATTACTAGGGAGGTGGATGGTAGG 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GACAACCGCATCAGCGGAGCTGCAAGGCCAGTGGCCATTACTAGGGAGGTGGATGGTAGG 1380

Qy       1381 GAGAGGGTCTGGCTGCCTTCCAGGAACCTCGCTCCACGTCCACTGGACACTCTCCGCTCA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GAGAGGGTCTGGCTGCCTTCCAGGAACCTCGCTCCACGTCCACTGGACACTCTCCGCTCA 1440

Qy       1441 GAGGACTTCATGCCAAACTGCAAGGCCTTCAGCTTCACCTTGGACCTGTCTCGGAACAAC 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 GAGGACTTCATGCCAAACTGCAAGGCCTTCAGCTTCACCTTGGACCTGTCTCGGAACAAC 1500

Qy       1501 CTGGTGACAATCCAGTCGGAGATGTTTGCTCGCCTCTCACGCCTCGAGTGCCTGCGTCTG 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CTGGTGACAATCCAGTCGGAGATGTTTGCTCGCCTCTCACGCCTCGAGTGCCTGCGTCTG 1560

Qy       1561 AGCCACAACAGCATCTCCCAGGCGGTCAATGGCTCTCAGTTTGTGCCGCTGACCAGCCTG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 AGCCACAACAGCATCTCCCAGGCGGTCAATGGCTCTCAGTTTGTGCCGCTGACCAGCCTG 1620

Qy       1621 CGGGTGCTGGACCTGTCCCACAACAAGCTGGACCTGTATCACGGGCGCTCGTTCACGGAG 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CGGGTGCTGGACCTGTCCCACAACAAGCTGGACCTGTATCACGGGCGCTCGTTCACGGAG 1680

Qy       1681 CTGCCGCGCCTGGAAGCACTGGACCTCAGCTACAACAGCCAGCCCTTTACCATGCAGGGT 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CTGCCGCGCCTGGAAGCACTGGACCTCAGCTACAACAGCCAGCCCTTTACCATGCAGGGT 1740
```

```
Qy       1741 GTGGGCCACAACCTCAGCTTCGTGGCCCAGCTGCCCGCCCTGCGCTACCTCAGCCTGGCG 1800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 GTGGGCCACAACCTCAGCTTCGTGGCCCAGCTGCCCGCCCTGCGCTACCTCAGCCTGGCG 1800

Qy       1801 CACAATGACATCCATAGCCGAGTGTCCCAGCAGCTCTGTAGCGCCTCACTGTGCGCCCTG 1860
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CACAATGACATCCATAGCCGAGTGTCCCAGCAGCTCTGTAGCGCCTCACTGTGCGCCCTG 1860

Qy       1861 GACTTTAGCGGCAACGATCTGAGCCGGATGTGGGCTGAGGGAGACCTCTATCTCCGCTTC 1920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GACTTTAGCGGCAACGATCTGAGCCGGATGTGGGCTGAGGGAGACCTCTATCTCCGCTTC 1920

Qy       1921 TTCCAAGGCCTAAGAAGCCTAGTCTGGCTGGACCTGTCCCAGAACCACCTGCACACCCTC 1980
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 TTCCAAGGCCTAAGAAGCCTAGTCTGGCTGGACCTGTCCCAGAACCACCTGCACACCCTC 1980

Qy       1981 CTGCCACGTGCCCTGGACAACCTCCCCAAAAGCCTGAAGCATCTGCATCTCCGTGACAAT 2040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGCCACGTGCCCTGGACAACCTCCCCAAAAGCCTGAAGCATCTGCATCTCCGTGACAAT 2040

Qy       2041 AACCTGGCCTTCTTCAACTGGAGCAGCCTGACCCTCCTGCCCAAGCTGGAAACCCTGGAC 2100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 AACCTGGCCTTCTTCAACTGGAGCAGCCTGACCCTCCTGCCCAAGCTGGAAACCCTGGAC 2100

Qy       2101 TTGGCTGGAAACCAGCTGAAGGCCCTAAGCAATGGCAGCCTGCCATCTGGCACCCAGCTG 2160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 TTGGCTGGAAACCAGCTGAAGGCCCTAAGCAATGGCAGCCTGCCATCTGGCACCCAGCTG 2160

Qy       2161 CGGAGGCTGGACCTCAGTGGCAACAGCATCGGCTTTGTGAACCCTGGCTTCTTTGCCCTG 2220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CGGAGGCTGGACCTCAGTGGCAACAGCATCGGCTTTGTGAACCCTGGCTTCTTTGCCCTG 2220

Qy       2221 GCCAAGCAGTTAGAAGAGCTCAACCTCAGCGCCAATGCCCTCAAGACAGTGGAGCCCTCC 2280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GCCAAGCAGTTAGAAGAGCTCAACCTCAGCGCCAATGCCCTCAAGACAGTGGAGCCCTCC 2280

Qy       2281 TGGTTTGGCTCGATGGTGGGCAACCTGAAAGTCCTAGACGTGAGCGCCAACCCTCTGCAC 2340
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TGGTTTGGCTCGATGGTGGGCAACCTGAAAGTCCTAGACGTGAGCGCCAACCCTCTGCAC 2340

Qy       2341 TGCGCCTGTGGGGCGACCTTCGTGGGCTTCCTGCTGGAGGTACAGGCTGCCGTGCCTGGG 2400
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 TGCGCCTGTGGGGCGACCTTCGTGGGCTTCCTGCTGGAGGTACAGGCTGCCGTGCCTGGG 2400

Qy       2401 CTGCCCAGCCGCGTCAAGTGTGGCAGTCCGGGGCAGCTCCAGGGCCATAGCATCTTTGCG 2460
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 CTGCCCAGCCGCGTCAAGTGTGGCAGTCCGGGGCAGCTCCAGGGCCATAGCATCTTTGCG 2460

Qy       2461 CAAGACCTGCGCCTCTGCCTGGATGAGACCCTCTCGTGGAACTGTTTTGGCATCTCGCTG 2520
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAAGACCTGCGCCTCTGCCTGGATGAGACCCTCTCGTGGAACTGTTTTGGCATCTCGCTG 2520

Qy       2521 CTGGCCATGGCCCTGGGCCTGGTTGTGCCCATGCTGCACCACCTCTGCGGCTGGGACCTC 2580
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTGGCCATGGCCCTGGGCCTGGTTGTGCCCATGCTGCACCACCTCTGCGGCTGGGACCTC 2580

Qy       2581 TGGTACTGCTTCCACCTGTGCCTGGCCTGGCTGCCCCACCGAGGGCAGCGGCGGGGCGCA 2640
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 TGGTACTGCTTCCACCTGTGCCTGGCCTGGCTGCCCCACCGAGGGCAGCGGCGGGGCGCA 2640

Qy       2641 GACGCCCTGTTCTATGATGCCTTCGTGGTCTTTGACAAAGCTCAGAGTGCTGTGGCCGAC 2700
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GACGCCCTGTTCTATGATGCCTTCGTGGTCTTTGACAAAGCTCAGAGTGCTGTGGCCGAC 2700

Qy       2701 TGGGTGTACAACGAGCTGCGGGTGCAGCTGGAGGAGCGCCGTGGGCGCCGCGCACTGCGC 2760
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 TGGGTGTACAACGAGCTGCGGGTGCAGCTGGAGGAGCGCCGTGGGCGCCGCGCACTGCGC 2760

Qy       2761 CTGTGCCTGGAGGAGCGAGACTGGTTACCTGGCAAGACGCTCTTCGAGAACCTGTGGGCC 2820
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CTGTGCCTGGAGGAGCGAGACTGGTTACCTGGCAAGACGCTCTTCGAGAACCTGTGGGCC 2820

Qy       2821 TCAGTCTACAGCAGCCGCAAGACCCTGTTTGTGCTGGCCCACACGGACCGTGTCAGCGGC 2880
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 TCAGTCTACAGCAGCCGCAAGACCCTGTTTGTGCTGGCCCACACGGACCGTGTCAGCGGC 2880

Qy       2881 CTCTTGCGTGCCAGTTTCCTGCTGGCCCAGCAGCGCCTGCTGGAGGACCGCAAGGACGTT 2940
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 CTCTTGCGTGCCAGTTTCCTGCTGGCCCAGCAGCGCCTGCTGGAGGACCGCAAGGACGTT 2940

Qy       2941 GTAGTGCTGGTGATCCTGCGCCCCGATGCCTACCGCTCCCGCTACGTGCGGCTGCGCCAG 3000
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 GTAGTGCTGGTGATCCTGCGCCCCGATGCCTACCGCTCCCGCTACGTGCGGCTGCGCCAG 3000

Qy       3001 CGCCTCTGCCGCCAGAGTGTCCTCCTCTGGCCCCACCAGCCCCGTGGGCAGGGCAGCTTC 3060
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 CGCCTCTGCCGCCAGAGTGTCCTCCTCTGGCCCCACCAGCCCCGTGGGCAGGGCAGCTTC 3060

Qy       3061 TGGGCCCAGCTGGGCACAGCCCTGACCAGGGACAACCGCCACTTCTATAACCGGAACTTC 3120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TGGGCCCAGCTGGGCACAGCCCTGACCAGGGACAACCGCCACTTCTATAACCGGAACTTC 3120

Qy       3121 TGCCGGGGCCCCACGACAGCCGAATAGCACTGAGTGACAGCCCAGTTGCCCCAGCCCCCC 3180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TGCCGGGGCCCCACGACAGCCGAATAGCACTGAGTGACAGCCCAGTTGCCCCAGCCCCCC 3180

Qy       3181 TGGATTTGCCTCTCTGCCTGGGTGCCCCAACCTGCTTTGCTCAGCCACACCACTGCTCTG 3240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 TGGATTTGCCTCTCTGCCTGGGTGCCCCAACCTGCTTTGCTCAGCCACACCACTGCTCTG 3240

Qy       3241 CTCCCTGTTCCCCACCCCACCCCCCAGCCTGGCATGTAACATGTGCCCAATAAATGCTAC 3300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CTCCCTGTTCCCCACCCCACCCCCCAGCCTGGCATGTAACATGTGCCCAATAAATGCTAC 3300

Qy       3301 CGGAGGCCAAGCAAAAAAAAAAAAAAAA 3329
                ||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 CGGAGGCCAAGCAAAAAAAAAAAAAAAA 3329
```